

UMR 1313 - GABI

GBoS

Animation

Pascal Croiseau

Marie-Pierre Sanchez

Thématique globale

La mission principale de GBoS est d'apporter des connaissances et des outils contribuant, par la génétique, à la durabilité des productions bovines dans ses dimensions économiques, sociales et environnementales.


**université
PARIS-SACLAY**

Rattachement à l'**Université
Paris-Saclay**

Rattachement à l'**école doctorale
ABIES** (Agriculture, Alimentation,
Biologie, Environnement, Santé)


SAPS

Sciences Animales PARIS SACLAY

Membre de **SAPS**

Sciences Animales Paris-Saclay


**France
Futur
Élevage**

Membre de l'Institut Carnot
France Futur Elevage

 Centre
Île-de-France - Jouy en Josas - Anthony

Génétique animale et biologie intégrative (GABI) Equipe Génétique pour la durabilité de l'élevage bovin

L'équipe GBoS a comme mission principale d'apporter des connaissances et des outils contribuant, par la génétique, à la durabilité des productions bovines dans ses dimensions économiques, sociales et environnementales.

L'équipe compte une quarantaine de personnes et est constituée de personnel INRAE mais également Idele et Eliance au sein de l'unité mixte technologique (UMT) e-BIS. L'équipe porte également la codirection, avec Idele, de l'Observatoire National des Anomalies Bovines (ONAB).

Les recherches de l'équipe s'inscrivent dans trois grands axes scientifiques : (a) compréhension et caractérisation des génomes bovins ; (b) étude des caractères et des fonctions (santé, adaptation, impact environnemental, qualité des produits, anomalies génétiques) ; (c) prédictions et sélections.

Questions scientifiques

Axe 1- Compréhension et caractérisation des génomes bovins

Cet axe de recherche vise à approfondir la connaissance des génomes bovins en combinant le séquençage systématique et l'étude des effets des variations génétiques. Grâce aux technologies de séquençage avancées, notamment "long-read", l'objectif est de cartographier les variants structuraux des génomes et de mieux comprendre le "pangéome", i.e., l'ensemble des variations génétiques présentes dans une population, au-delà du génome de référence. Cet axe inclut également une dimension épigénétique, avec un focus sur les marques de méthylation pour explorer la relation entre génétique, épigénétique et performance animale. Des collaborations internationales permettent de renforcer cette approche, tout en développant des outils innovants comme des lignées cellulaires pour tester l'effet de certains variants génétiques. Enfin, l'équipe explore aussi le génotypage par séquençage comme une alternative prometteuse aux techniques actuelles de génotypage, pour anticiper les besoins futurs de la sélection génomique.

Projets associés : H2020 RUMIGEN ; PEPR ADAAPT ; ANR & APIS-GENE PolyPheMe ; APIS-GENE InViTroupeau ; Carnot F2E CASCAD

Axe 2- Etude des caractères et des fonctions

Cet axe explore le déterminisme génétique des caractères importants pour l'adaptation des bovins aux exigences de l'agroécologie, en particulier leur santé, robustesse, efficacité et adaptation climatique. L'objectif est de mieux comprendre les bases génétiques de ces caractères et d'orienter la sélection vers des animaux adaptés à divers environnements. Les données collectées incluent des phénotypes variés et des informations biologiques complexes, issues de projets nationaux et européens. Les travaux sur la santé portent sur l'étude de la résistance à des maladies émergentes comme les strongles, la besnoitiose et la tuberculose, mais aussi à des maladies plus communes telles que les mammites, les pathologies des pattes, ou la paratuberculose. Concernant les caractères d'adaptation et d'efficacité, l'équipe étudie la longévité, la précocité, la tolérance à la chaleur, les émissions de méthane ou la qualité des produits



Domaine de Vilvert
78350 Jouy en Josas

Suivre nos actualités

<https://gabi.jouy.hub.inrae.fr/>

<https://www.linkedin.com/company/umr-gabi>

<https://bsky.app/profile/umr-gabi.bsky.social>



UMR 1313 – GABI

Résultats marquants

- Etude des pangénomes
- Validation fonctionnelle
- Déterminisme génétique des émissions de méthane, de la thermotolérance, de la composition du microbiote, de la résistance aux maladies et de la méthylation
- Interactions GxE
- Intégration de nouvelles informations pour améliorer la précision des évaluations génomiques

Dispositifs de recherche :

Notre activité se construit sur une forte synergie entre gestion des populations et analyse de la variabilité génétique.

Les phénotypes proviennent de la base nationale zootechnique et de l'unité expérimentale du Pin. Le Centre de Traitement de l'Information Génétique est un partenaire proche fournissant l'accès aux données. Les séquences sont produites sur la plateforme GetPlage de Toulouse et les travaux de bioinformatique sont réalisés en collaboration avec Siganae. La majorité des génotypes provient de l'activité de sélection génomique.

(lait et viande). En parallèle, des recherches sur de nouveaux caractères, comme le bien-être animal, sont envisagées via des outils de phénotypage haut débit (capteurs, robots de traite, spectres moyen infrarouge du lait...). L'équipe collabore également avec la filière et des partenaires vétérinaires pour identifier les anomalies génétiques chez les bovins, contribuant ainsi à l'Observatoire National des Anomalies Bovines (ONAB). Cette initiative permet de caractériser précisément les mutations responsables de certaines anomalies, y compris le cornage, pour en améliorer la compréhension et la gestion.

Projets associés : H2020 RUMIGEN ; PEPR ADAAPT ; CASDAR ALONGE ; APIS-GENE & BPI Methane2030 ; APIS-GENE CaiCalor, GMYOSEO2, PRECOBEEF2, METHABREED, BESNALP, GIVERNI, WelCow, FROM4ALL, SéViTal, ACROPOLLED ; projet GLOBAL de l'UE du Pin (diverses sources de financement)

Axe 3- Prédiction et Sélections

Ce troisième axe se concentre sur l'amélioration des outils de prédiction et de sélection génomique pour les bovins. L'équipe explore de nouvelles voies pour améliorer la précision des évaluations génomiques, en intégrant les annotations fonctionnelles des variants génétiques, les effets non additifs et des informations non génétiques comme les marques épigénétiques ou le microbiote. D'autres recherches visent à personnaliser les index de sélection en fonction des interactions entre génétique et environnement (GxE), afin d'adapter la sélection aux spécificités des élevages et aux conditions climatiques futures. Un autre enjeu est la gestion de la diversité génétique et la maîtrise de la consanguinité. Enfin, l'objectif est de rendre ces outils directement utilisables en ferme pour aider les éleveurs à optimiser le renouvellement de leurs troupeaux en fonction de leur environnement spécifique, avec l'objectif d'améliorer l'adaptation et la résilience des bovins.

Projets associés : H2020 RUMIGEN ; PEPR CoBreeding, ADAAPT ; APIS-GENE TRANSEVAGENOC, SéViTal ; Carnot F2E GS-Mint ; MP CLIMAE Vaacherin et consortium GenAttac

Expertises

Structure et fonctionnement du génome ; Déterminisme génétique des caractères ; Evaluation génétique ; Gestion des populations

Partenaires

Idele & Eliance via l'Unité Mixte Technologique eBIS ; INRAE : départements GA, Phase et SA ; Ecoles vétérinaires ; Opérateurs de la sélection bovine ; Consortiums et réseaux internationaux.

Publications

<https://gabi.jouy.hub.inrae.fr/les-equipes/gbos/publications-gbos>

